Demographische und populationsgenetische Grundlagen zum Schutz der Mauereidechse (*Podarcis muralis*)

Carolin Bender

Synopsis
The habitats of the wall lizard, *Podarcis muralis*, are locations which are strongly influenced by human activities. During the past decades, most populations have become reduced or isolated in Central Europe, which may lead to genetic depauperation with possible negative effects on these populations. In the present study, the sizes of two wall lizard populations living in restructured vineyards were estimated. The size of population 1 (R) was estimated as about 1500–3000 adults, the size of the second population 2 (H) was about 110 individuals (all age classes). These two populations of *Podarcis muralis* were examined for genetic variability by means of RAPD fingerprinting. The two populations exhibit a distinct genetic differentiation, and the larger population (population 1) exhibits significantly higher levels of genetic variation. Future management efforts must incorporate demographic as well as genetic considerations for conservation strategies to be effective.

Podarcis muralis, Populationsgröße, genetische Struktur, RAPD

Podarcis muralis, population size, genetic structure, RAPD.

1. Einleitung

In Mitteleuropa hat sich der Flächenanteil naturnaher Landschaften vor allem seit Mitte dieses Jahrhunderts durch Straßenbau, Siedlungsbau sowie intensive Land- und Forstwirtschaft stark verringert (HENLE & KAULE 1991; KAULE 1991). Daraus resultierte die Verinselung geeigneter Habitate: Tiere und Pflanzen können nur eingeschränkt in andere Habitate migrieren oder aus diesen zuwandern. Diese anthropogene Beschränkung von Migration und Dispersion beeinflußt Abundanz und genetische Variabilität von Tier- und Pflanzenpopulationen von Arten in fragmentierten Lebensräumen (HOVESTADT & al. 1991).

Das Ziel von Schutzmaßnahmen ist es, bedrohte Tierarten effektiv und nachhaltig zu schützen. Eines der entscheidenden Probleme, die hier gelöst werden müssen, ist die Frage nach dem Flächenbedarf von Populationen, den Auswirkungen von Fragmentierungen der Landschaft und der Qualität der verbleibenden Flächen (HOVESTADT & al. 1991; HENLE & KAULE 1991). Ein notwendiger Schritt in dieser Richtung sind Untersuchungen zur Demographie und Populationsgenetik (BENDER 1991).

Die Mauereidechse, *Podarcis muralis*, ist in Deutschland streng geschützt, aber dennoch stetig im Rückgang begriffen. Als ursprünglich mediterrane Art erreicht sie hier ihre nordwestliche Verbreitungsgrenze und besiedelt in teilweise oder völlig voneinander isolierten Populationen warme südexponierte Trockenstandorte mit Geröllhalden, Steinbrüchen oder Trockenmauern. Populationen unterschiedlicher Größe finden sich z.B. in den Tälern von Rhein, Mosel, Lahn und Nahe (GRUSCHWITZ & BÖHME 1986).

Die hier präsentierten Ergebnisse sind Teil einer Studie, die den Einfluß von Flächengröße, Isolation und Habitatqualität auf Demographie und genetische Struktur von Mauereidechsen-Populationen untersucht. Die Gesamtplanung beinhaltet die Untersuchung von isolierten und nicht-isolierten Populationen unterschiedlicher Größe in verschiedenen Habitaten. In der Arbeitshypothese wird davon ausgegangen, daß große Populationen ein größeres Ausmaß an genetischer Variation besitzen als kleine Populationen. Desweiteren können kleine isolierte Populationen einschneidende Veränderungen in ihrer Demographie und genetischen Diversität aufgrund des größeren Einflusses zufälliger Gendrift und Inzucht in einer kleinen effektiven Populationsgröße aufweisen. Durch den Vergleich demographischer und genetischer Parameter verschiedener Populationen sollen mögliche Auswirkungen auf die Überlebenschancen kleiner Mauereidechsen-Populationen untersucht werden, um damit bessere Schutzstrategien entwickeln zu können.

In der vorliegenden Studie werden Teilergebnisse von zwei *Podarcis muralis*-Populationen als erste Grundlagen für einen möglichen Einfluß unterschiedlicher Populationsgrößen auf die genetische Diversität dargestellt.

2. Material und Methoden

Population 1

Im Frühsommer 1994 wurde an einem Teilbereich der Weinbergmauern der Stadt Rüdesheim (siehe Abb. 1) eine Erfassung der Mauereidechsen-Populati-

on durchgeführt. Die Weinberge der Stadt Rüdesheim wurden in den 60er Jahren flurbereinigt; in der Folge ersetzten betonierte Natursteinmauern die ursprünglichen Trockenmauern bis auf wenige Reste. Die verputzten Mauern erreichen eine Höhe von ca. 3–4 m und erstrecken sich über mehrere Kilometer Gesamtlänge. Die in regelmäßigen Abständen in die Mauern integrierten Entwässerungsröhren sowie Spalten am Mauerfuß stellen nun die einzigen Rückzugsmöglichkeiten für Mauereidechsen dar. Aus diesem Mauerkomplex wurde ein 400 m langer Abschnitt ausgewählt, um die dort lebenden adulten Mauereidechsen zu erfassen. Mittels Markierung-Wiederfang wurde die Populationsgröße der Adulti mit der Petersen-Methode geschätzt (CAUGHLEY 1980).

Population 2

Die untersuchte Population befindet sich im Bereich des Gewanns Ranzenberg bei Heilbronn (siehe Abb. 1). Dort wurde 1987 im Rahmen einer Ausgleichsmaßnahme ein terrassierter Weinberg mit 14 Trockenmauern und insgesamt ca. 200 m Länge neu angelegt. Zuvor waren 130 Tiere (Adulti, Juveniles) aus der dortigen Population entnommen worden. Bis zur Fertigstellung der neuen Trockenmauern nach der Rebflurbereinigung wurden diese Tiere im Naturkundemuseum Stuttgart untergebracht (EHRL & WOLF 1987). Nach der Wiederansiedlung wurden in den folgenden Jahren kontinuierlich Erfassungen der Population durchgeführt (KUBACH 1989; BENDER 1993). Das nächstgelegene Vorkommen von Mauereidechsen ist ca. 1 km entfernt, wobei verbindende Strukturen bis auf wenige Winzerhäuschen fehlen. Daher kann die untersuchte Population als isoliert betrachtet werden. Die Größe der Gesamtpopulationen wurde in den Jahren 1990–1994 durch Anpassung der Wiederfangfrequenzen an verschiedene Verteilungen abgeschätzt (nach CAUGHLEY 1980).

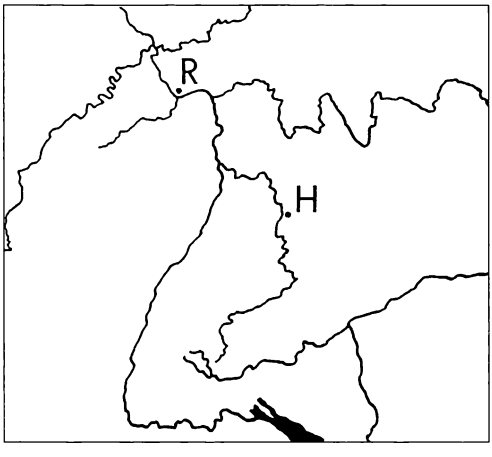

Abb. 1
Standorte der untersuchten Mauereidechsen-Populationen (Population 1 bei Rüdesheim = R, Population 2 bei Heilbronn = H).

Fig. 1
Locations of the wall lizard populations (population 1 at Rüdesheim = R, population 2 at Heilbronn = H).

Genetische Untersuchungen

Aus den Gewebeproben wurde die DNA über Standardmethoden isoliert (SAMBROOK & al. 1989). Nach elektrophoretischer Auftrennung (1.4% Agarose-Gele) erfolgte die DNA-Mengenabschätzung über einen Vergleich mit bekannter Lambda-DNA.

Zur Abschätzung der genetischen Variation innerhalb und zwischen den Populationen wurde die Methode des RAPD-Fingerprinting (*Random Amplified Polymorphic DNA*, WILLIAMS & al. 1990) ausgewählt. Diese genetische Analyse erlaubt den Einsatz kleinster DNA-Ausgangsmengen (1–10 ng). Dadurch ist diese Methode speziell für bedrohte Arten geeignet, über die in der Regel keine genetischen Informationen vorliegen (HADRYS & al. 1992).

Die Polymerase-Kettenreaktion wurde in einem Volumen von 12,5 µL in einem Thermocycler 9600 (Perkin Elmer) durchgeführt. Das Reaktionsgemisch setzte sich zusammen aus: 10 mM Tris-HCl (pH 8,3), 50 mM KCl, 2 mM $MgCl_2$, 0,001% Gelatine, jeweils 0,1 mM dATP, dCTP, dGTP und dTTP, 3 pmol Primer, 1–10 ng DNA-Matrize sowie 0,35 U Taq-Polymerase (Perkin Elmer Cetus). Es wurden vier 10mer Primer (OPAB-02; OPAB-06; OPAB-14; OPM-16; Operon Inc.) eingesetzt. Die PCR-Amplifikation wurde mit dem folgenden Programm durchgeführt: Vordenaturierung 85°C für 150 s; 40 Zyklen mit je 92°C für 20 s, 38°C für 15 s, 72°C für 60 s (ramp 1°C/3 s). Die RAPD-Fingerprints wurden in 1,4% Agarose-Gelen mit Ethidiumbromid aufgetrennt und unter UV-Licht fotografiert.

Insgesamt wurden 20 Tiere (jeweils 10 Individuen aus beiden Populationen) mit vier 10mer Primern analysiert. Die RAPD-Fingerprints wurden in eine Binärmatrix übertragen, wobei »1« für das Vorhandensein und »0« für das Fehlen eines DNA-Fragments kodiert. Auf der Basis der genetischen Distanzen wurde mit Hilfe der UPGMA-Methode ein Phänogramm erstellt (*Unweighted Pair-Group Method with arithmetic Average*, SNEATH & SOKAL 1973).

Mit Hilfe der Varianzanalyse wurde das Ausmaß individueller Variation innerhalb der jeweiligen Population (Population 1 und 2) auf Unterschiede getestet (Varianzanalyse, SACHS 1978). Dazu wurden die absoluten Unterschiede in der Bandenanzahl verwendet.

3. Ergebnisse

Die Größe der Population 1 an dem 400 m langen Mauerabschnitt am Standort Rüdesheim wurde im Frühsommer 1994 auf 73,3 (sd=17,8) adulte Mauereidechsen geschätzt. Da weniger als 5% des Gebietes erfaßt wurde, liegt die Populationsgröße im Bereich von mindestens 1500–3000 adulten Tieren. Am Standort Heilbronn (Mauerlänge 200 m) bestand die Population 2 von ursprünglich 133 ausgesetzten Mauereidechsen 1990 nur noch aus 44 Individuen (90% VB 39–51), 1991 erholte sie sich auf 66 (Frühjahr: 90% VB 61–74) bzw. 69 Tiere (Herbst: 90% VB 62–78). Zwischen dem Frühjahr 1992 bis 1994 lag die Populationsgröße bei ca. 110 Tieren (1992 Frühjahr: 104, 90% VB 70–163; Herbst: 113, 90% VB 103–122; 1993 Frühjahr: 109, 90% VB 98–123; 1994 Frühjahr: 111, 90% VB 101–119). Die Populationsdichte, berechnet in Anzahl Individuen pro 100 m Mauerlänge, der Population 1 (Standort Rüdesheim) betrug 18,3 Adulti (sd=4,5), die Dichte der Population 2 (Standort Heilbronn) lag bei 56,5 Individuen (sd=9,5).

Das UPGMA-Phänogramm zeigt zwei Hauptgruppen, die die jeweilige eindeutige Gruppierung der Individuen in eine Population repräsentieren, d.h. Individuen derselben Population gruppieren aufgrund ihrer genetischen Ähnlichkeit zusammen (siehe Abb. 2). Die Varianzanalyse ergab einen signifikanten Unterschied ($p<0{,}0005$) in bezug auf das Ausmaß der Variation innerhalb der jeweiligen Hauptgruppe. Das erstellte Phänogramm und die Varianzanalyse zeigen, daß die Population 2 (H) eine genetisch homogenere Struktur gegenüber der Population 1 (R) aufweist.

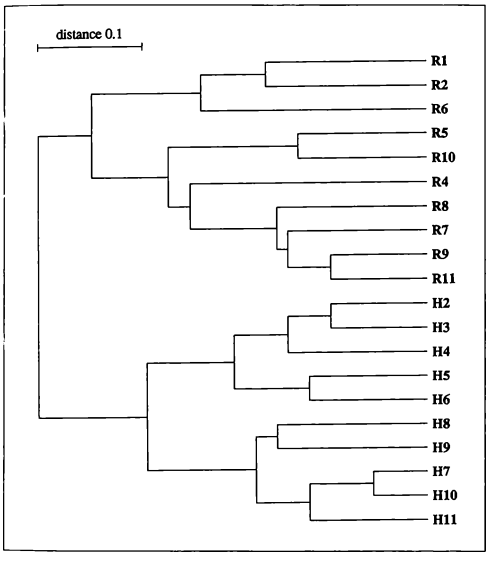

Abb. 2
Phänogramm der beiden Mauereidechsen-Populationen (Population 1 bei Rüdesheim = R, Population 2 bei Heilbronn = H). Zahlen hinter den Populationskürzel stehen für verschiedene Individuen aus diesen Populationen.

Fig. 2
Phenogram of the two wall lizard populations at Rüdesheim (R) and Heilbronn (H). Numbers refer to Individuals.

4. Diskussion

Die Auswirkungen der Umweltvariabilität auf die genetische Struktur von Populationen ist von grundsätzlichem biologischen Interesse (NEVO & al. 1975). Die genetische Diversität natürlicher Populationen sowie deren Änderung durch mikroevolutionäre Faktoren ist nicht nur für evolutionsbiologische Fragestellungen von Bedeutung, sondern stellt ein wesentliches Problem bei den Bemühungen um einen effektiven Artenschutz dar (SCHONEWALD-COX & al. 1983; LOESCHCKE 1988; BENDER 1991).

Durch Verinselung geeigneter Habitate für Tier- und Pflanzenpopulationen wurden in den letzten Jahrzehnten große Populationen in kleinere Subpopulationen zerschnitten (MADER 1990; HOVESTADT & al. 1991). Abhängig von der Mobilität der jeweiligen Art hat die Zerteilung in Subpopulationen verschiedene Auswirkungen. Ist die Mobilität hoch, d.h. bleiben die Populationen durch migrierende Individuen in Verbindung, so wird eine genetische Durchmischung aufrechterhalten, so daß eine Unterteilung wenig oder keinen Einfluß auf die genetische Struktur der Subpopulationen hat (BOECKLEN 1986). In isolierten Subpopulationen führen dagegen genetische Drift und zunehmende Inzucht, abhängig von der Populationsgröße, zu einem Verlust an genetischer Information und schließlich zu homogenen Subpopulationen, die allerdings keineswegs in den gleichen genetischen Merkmalen monomorph sein müssen (GILPIN 1987).

Neben Fluktuationen der Populationsgröße haben vor allem die genetische Struktur sowie die Ausbreitungsfähigkeit einen entscheidenden Einfluß auf das Überleben von Populationen (ALLENDORF 1983; MADER 1990), insbesondere bei Arten mit begrenztem Ausbreitungsvermögen, wie der Mauereidechse (HENLE & STREIT 1990). Proteinelektrophoretische Untersuchungen von *Podarcis muralis* zeigten nur geringe Allozymvariation zwischen Populationen und auch Unterarten (MAYER & TIEDEMANN 1982). Damit mußte eine genetische Methode auf DNA-Ebene gefunden werden, die zudem den Schutzstatus dieser Art berücksichtigt, also geringstmöglichen Einfluß auf die untersuchten Populationen aufweist.

Durch den Nachweis polymorpher DNA-Marker bei Mauereidechsen ist die Voraussetzung gegeben, Vergleiche der genetischen Variabilität von Populationen und Individuen durchzuführen. Die genetisch untersuchten Individuen werden in dem Phänogramm (Abb. 2) in zwei Hauptgruppen getrennt. Wie aus den Populationskürzeln vor den Tiernummern ersichtlich, repräsentiert jede Hauptgruppe eine reale Population (siehe Abb. 2). Die kleine isolierte Population 2 (H) ist genetisch homogener als die große Population 1 (R), wie das Phänogramm zeigt. Dies wird durch die Varianzanalyse bestätigt, die einen signifikanten Unterschied innerhalb der beiden Populationen absichert. Diese ersten Ergebnisse entsprechen den theoretischen Modellen, daß große Populationen eine größere genetische Variation aufrechterhalten können, als kleine isolierte Populationen (vgl. MADER 1990; SALWASSER & al. 1984; BENDER 1991).

Die Größe der Population 1 an dem untersuchten Mauerabschnitt betrug 73,3 Adulti, wobei die Gesamtpopulation den gesamten Mauerkomplex von einigen Kilometern Länge besiedelt (Gesamtgröße ca. 1500–3000 Adulti), dagegen stehen der Population 2 (110 Individuen) nur 200 m Mauern zur Verfügung. Wenn die Dichte (Anzahl Individuen/100 m Mauerlänge) als Indikator für die Mauerkapazität der beiden Standorte herangezogen werden, liegt die Mauerkapazität der kleinen Population 2 mit 56,5 Individuen erheblich über der der großen Population 1 mit 18,3 Adulti. Daraus kann gefolgert werden, daß die Qualität der Mauern (oder Mauerkapazität) am Standort der Population 2 weit besser ist, als am Standort der großen Population 1. Damit können die unterschiedlichen Populationsgrößen als Folge der Kombination Mauerqualität und zur Verfügung stehenden Mauerlänge gewertet werden. Die Population 2 weist insgesamt für mitteleuropäische Verhältnisse eine hohe Dichte auf (GRUSCHWITZ & BÖHME 1986), lebt also in einem qualitativ hochwertigen Habitat.

Die hier präsentierten Ergebnisse aus demographischen und genetischen Untersuchungen von zwei Mauereidechsen-Populationen zeigen einen ersten Trend auf, der aber durch weiterführende Untersuchungen an zusätzlichen Populationen verifiziert werden muß. Um Überlebenswahrscheinlichkeiten abschätzen zu können, müssen die langfristigen Auswirkungen von Isolation und Flächengröße auf die genetische Zusammensetzung und die Dynamik von Populationen quantifiziert werden. Dies kann mit computergestützten Simulationsmodellen durchgeführt werden. Die demographischen Daten aus den Untersuchungen der kleinen Population 2 in den Jahren 1991–1993 wurden als Grundlage für ein erstes computergestütztes Simulationsmodell verwendet (vgl. HILDEBRANDT & al. 1995). Mit diesem Grundlagenwissen wird es möglich, Populationsgefährdungsanalysen durchzuführen und damit Flächenansprüche zu ermitteln.

Diese Studie wurde mit Unterstützung des BMFT durchgeführt (0339523A).

5. Literatur

ALLENDORF, F. W., 1983: Isolation, gene flow, and genetic differentiation among populations. – In: C. M. Schonewald-Cox et al. (ed.): Genetics and Conservation. – Benjamin/Cummings, Menlo Park: 51–65.

BENDER, C., 1991: Genetik und Naturschutz. – In: Henle, K. & G. Kaule (ed.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. – Forschungszentrum Jülich, Berichte aus der Ökologischen Forschung, Band 4: 158–179.

BENDER, C., 1993: »Eidechsengarten« Ranzenberg – Entwicklung der Mauereidechsenpopulation 1993. – Unveröffentlichtes Gutachten im Auftrag des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.

BOECKLEN, W. J., 1986: Optimal design of nature reserves? – Biol. Conserv. 32: 277–880.

CAUGHLEY, G., 1980: Analysis of Vertebrate Populations. – Wiley & Sons, New York.

EHRL, A. & M. WOLF, 1987: Zur Wiederansiedlung von Mauereidechsen im Gewann Ranzenberg in Weinsberg, Landkreis Heilbronn. – Unveröffentlichtes Gutachten im Auftrag des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.

GILPIN, M. E., 1987: Spatial structure and population vulnerability. – In M. E. SOULÉ (ed.): Viable Populations for Conservation. – Cambridge Univ. Press, Cambridge: 125–139.

GRUSCHWITZ, M. & W. BÖHME, 1986: Podarcis muralis (LAURENTI, 1768) – Mauereidechse. – In W. BÖHME (ed.): Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas. – Aula-Verlag, Wiesbaden: 155–208.

HADRYS, H., BALICK, M., SCHIERWATER, B., 1992: Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. – Mol. Ecol., 1: 55–63.

HENLE, K. & B. STREIT, 1990: Kritische Betrachtungen zum Artenrückgang bei Amphibien und Reptilien und zu dessen Ursachen. – Natur u. Landsch., 7/8: 347–361.

HENLE, K. & G. KAULE, 1991: Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. – Forschungszentrum Jülich, Berichte aus der Ökologischen Forschung, Band 4.

HILDEBRANDT, H., BENDER, C., GRIMM, V., HENLE, K., 1995: Ein individuenbasiertes Modell zur Beurteilung der Überlebenschancen kleiner Popu-

lationen der Mauereidechse (*Podarcis muralis*). – Verh. GfÖ 1994 (in press).

HOVESTADT, T., ROESER, J., MÜHLENBERG, M., 1991: Flächenbedarf von Tierpopulationen. – Forschungszentrum Jülich, Berichte aus der Ökologischen Forschung, Band 1.

KAULE, G., 1991: Arten- und Biotopschutz. – 3. Auflage, Ulmer Verlag.

KUBACH, G., 1989: Zur Wiederansiedlung von Mauereidechsen im Gewann Ranzenberg in Weinsberg/Landkreis Heilbronn. – Unveröffentlichtes Gutachten im Auftrag des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.

LOESCHCKE, V., 1988: Populationsgenetik und Artenschutz. – Naturwiss. Rundschau, 41: 310–314.

MADER, H.-J., 1990: Die Isolation von Tier- und Pflanzenpopulationen als Aspekt einer europäischen Naturschutzstrategie. – Natur u. Landsch., 1: 9–12.

MAYER, W. & F. TIEDEMANN, 1982: Chemotaxonomical investigations in the collective genus *Lacerta* (LACERTIDAE: SAURIA) by means of protein electrophoresis. – Amphibia-Reptilia, 2: 349–355.

NEVO, E., DESSAUER, H. C., CHUANG, K.-C., 1975: Genetic variation as a test of natural selection. – Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 72: 2145–2149.

SACHS, L., 1978: Angewandte Statistik. – Springer Verlag, Berlin.

SALWASSER, H., MEALEY, S. P., JOHNSON, K., 1984: Wildlife population viability: a question of risk. – Trans. Amer. Wildl. and Natur. Resour. Conf., 49: 421–439.

SAMBROOK, J., FRITSCH, R. F., MANIATIS, T., 1989: Molecular Cloning: A Laboratory Manual. – Cold Spring Harbour, New York.

SCHONEWALD-COX, C. M., CHAMBERS, S. M., MACBRYDE, B., THOMAS, L., 1983: Genetics and Conservation. – Benjamin/Cummings, Menlo Park.

SNEATH, P. H. A. & R. R. SOKAL, 1973: Numerical Taxonomy. – Freeman, San Francisco.

WILLIAMS, J. G., KUBELIK, A. R., LIVAK, K. J., RAFALSKI, J. A., TINGEY, S. V., 1990: DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. – Nucleic Acids Research, 18: 6531–6536.

Adresse

Dipl.-Biol. Carolin Bender
Johann Wolfgang Goethe-Universität
Zoologisches Institut, Abt. Ökologie und Evolution
Siesmayerstr. 70, D-60054 Frankfurt a.M.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie

Jahr/Year: 1995

Band/Volume: 24_1995

Autor(en)/Author(s): Bender Carolin

Artikel/Article: Demographische und populationsgenetische Grundlagen zum Schutz der Mauereidechse (Podarcis muralis) 187-191